

SEQUENCE LISTING

<110> Foster, Timothy J.
McDevitt, Damien L.

<120> The S. aureus Fibrinogen Binding Protein Gene

<130> 05344.105011

<140> 08/293,728

<141> 1994-08-22

<160> 20

<170> PatentIn Ver. 2.0

<210> 1

<211> 3498

<212> DNA

<213> Staphylococcus aureus

<220>

<221> CDS

<222> (301)..(3099)

<400> 1

```
ggtaccataa attacacatc tgcttttgaa aaaatatgat ttcaagctag gattacatta 60
ggtagagttc atattaataa taaaaaatgt ttgcaatcaa atcgtacgtt gtcgtttgta 120
attcttaaaa tagcaataaa taaaatgttt gttagtaaag tattattgtg gataataaaa 180
tatcgataca aattaattgc tataatgcaa ttttagtgta taattccatt aacagagatt 240
aaatatatct taaagggtat atagttaata taaaatgact ttttaaaaag agggaataaa 300
```

```
atg aat atg aag aaa aaa gaa aaa cac gca att cgg aaa aaa tcg att 348
Met Asn Met Lys Lys Lys Glu Lys His Ala Ile Arg Lys Lys Ser Ile
1 5 10 15
```

```
ggc gtg gct tca gtg ctt gta ggt acg tta atc ggt ttt gga cta ctc 396
Gly Val Ala Ser Val Leu Val Gly Thr Leu Ile Gly Phe Gly Leu Leu
20 25 30
```

```
agc agt aaa gaa gca gat gca agt gaa aat agt gtt acg caa tct gat 444
Ser Ser Lys Glu Ala Asp Ala Ser Glu Asn Ser Val Thr Gln Ser Asp
35 40 45
```

agc gca agt aac gaa agc aaa agt aat gat tca agt agc gtt agt gct	492
Ser Ala Ser Asn Glu Ser Lys Ser Asn Asp Ser Ser Ser Val Ser Ala	
50 55 60	
gca cct aaa aca gac gac aca aac gtg agt gat act aaa aca tcg tca	540
Ala Pro Lys Thr Asp Asp Thr Asn Val Ser Asp Thr Lys Thr Ser Ser	
65 70 75 80	
aac act aat aat ggc gaa acg agt gtg gcg caa aat cca gca caa cag	588
Asn Thr Asn Asn Gly Glu Thr Ser Val Ala Gln Asn Pro Ala Gln Gln	
85 90 95	
gaa acg aca caa tca tca tca aca aat gca act acg gaa gaa acg ccg	636
Glu Thr Thr Gln Ser Ser Ser Thr Asn Ala Thr Thr Glu Glu Thr Pro	
100 105 110	
gta act ggt gaa gct act act acg aca acg aat caa gct aat aca ccg	684
Val Thr Gly Glu Ala Thr Thr Thr Thr Thr Asn Gln Ala Asn Thr Pro	
115 120 125	
gca aca act caa tca agc aat aca aat gcg gag gaa tta gtg aat caa	732
Ala Thr Thr Gln Ser Ser Asn Thr Asn Ala Glu Glu Leu Val Asn Gln	
130 135 140	
aca agt aat gaa acg act ttt aat gat act aat aca gta tca tct gta	780
Thr Ser Asn Glu Thr Thr Phe Asn Asp Thr Asn Thr Val Ser Ser Val	
145 150 155 160	
aat tca cct caa aat tct aca aat gcg gaa aat gtt tca aca acg caa	828
Asn Ser Pro Gln Asn Ser Thr Asn Ala Glu Asn Val Ser Thr Thr Gln	
165 170 175	
gat act tca act gaa gca aca cct tca aac aat gaa tca gct cca cag	876
Asp Thr Ser Thr Glu Ala Thr Pro Ser Asn Asn Glu Ser Ala Pro Gln	
180 185 190	
agt aca gat gca agt aat aaa gat gta gtt aat caa gcg gtt aat aca	924
Ser Thr Asp Ala Ser Asn Lys Asp Val Val Asn Gln Ala Val Asn Thr	
195 200 205	
agt gcg cct aga atg aga gca ttt agt tta gcg gca gta gct gca gat	972
Ser Ala Pro Arg Met Arg Ala Phe Ser Leu Ala Ala Val Ala Ala Asp	
210 215 220	
gca ccg gca gct ggc aca gat att acg aat cag ttg acg aat gtg aca	1020
Ala Pro Ala Ala Gly Thr Asp Ile Thr Asn Gln Leu Thr Asn Val Thr	
225 230 235 240	

gtt ggt att gac tct ggt acg act gtg tat ccg cac caa gca ggt tat	1068
Val Gly Ile Asp Ser Gly Thr Thr Val Tyr Pro His Gln Ala Gly Tyr	
245 250 255	
gtc aaa ctg aat tat ggt ttt tca gtg cct aat tct gct gtt aaa ggt	1116
Val Lys Leu Asn Tyr Gly Phe Ser Val Pro Asn Ser Ala Val Lys Gly	
260 265 270	
gac aca ttc aaa ata act gta cct aaa gaa tta aac tta aat ggt gta	1164
Asp Thr Phe Lys Ile Thr Val Pro Lys Glu Leu Asn Leu Asn Gly Val	
275 280 285	
act tca act gct aaa gtg cca cca att atg gct gga gat caa gta ttg	1212
Thr Ser Thr Ala Lys Val Pro Pro Ile Met Ala Gly Asp Gln Val Leu	
290 295 300	
gca aat ggt gta atc gat agt gat ggt aat gtt att tat aca ttt aca	1260
Ala Asn Gly Val Ile Asp Ser Asp Gly Asn Val Ile Tyr Thr Phe Thr	
305 310 315 320	
gac tat gta aat act aaa gat gat gta aaa gca act ttg acc atg ccc	1308
Asp Tyr Val Asn Thr Lys Asp Asp Val Lys Ala Thr Leu Thr Met Pro	
325 330 335	
gct tat att gac cct gaa aat gtt aaa aag aca ggt aat gtg aca ttg	1356
Ala Tyr Ile Asp Pro Glu Asn Val Lys Lys Thr Gly Asn Val Thr Leu	
340 345 350	
gct act ggc ata ggt agt aca aca gca aac aaa aca gta tta gta gat	1404
Ala Thr Gly Ile Gly Ser Thr Thr Ala Asn Lys Thr Val Leu Val Asp	
355 360 365	
tat gaa aaa tat ggt aag ttt tat aac tta tct att aaa ggt aca att	1452
Tyr Glu Lys Tyr Gly Lys Phe Tyr Asn Leu Ser Ile Lys Gly Thr Ile	
370 375 380	
gac caa atc gat aaa aca aat aat acg tat cgt cag aca att tat gtc	1500
Asp Gln Ile Asp Lys Thr Asn Asn Thr Tyr Arg Gln Thr Ile Tyr Val	
385 390 395 400	
aat cca agt gga gat aac gtt att gcg ccg gtt tta aca ggt aat tta	1548
Asn Pro Ser Gly Asp Asn Val Ile Ala Pro Val Leu Thr Gly Asn Leu	
405 410 415	
aaa cca aat acg gat agt aat gca tta ata gat cag caa aat aca agt	1596
Lys Pro Asn Thr Asp Ser Asn Ala Leu Ile Asp Gln Gln Asn Thr Ser	
420 425 430	

att aaa gta tat aaa gta gat aat gca gct gat tta tct gaa agt tac	1644
Ile Lys Val Tyr Lys Val Asp Asn Ala Ala Asp Leu Ser Glu Ser Tyr	
435 440 445	
ttt gtg aat cca gaa aac ttt gag gat gtc act aat agt gtg aat att	1692
Phe Val Asn Pro Glu Asn Phe Glu Asp Val Thr Asn Ser Val Asn Ile	
450 455 460	
aca ttc cca aat cca aat caa tat aaa gta gag ttt aat acg cct gat	1740
Thr Phe Pro Asn Pro Asn Gln Tyr Lys Val Glu Phe Asn Thr Pro Asp	
465 470 475 480	
gat caa att aca aca ccg tat ata gta gtt gtt aat ggt cat att gat	1788
Asp Gln Ile Thr Thr Pro Tyr Ile Val Val Val Asn Gly His Ile Asp	
485 490 495	
ccg aat agc aaa ggt gat tta gct tta cgt tca act tta tat ggg tat	1836
Pro Asn Ser Lys Gly Asp Leu Ala Leu Arg Ser Thr Leu Tyr Gly Tyr	
500 505 510	
aac tcg aat ata att tgg cgc tct atg tca tgg gac aac gaa gta gca	1884
Asn Ser Asn Ile Ile Trp Arg Ser Met Ser Trp Asp Asn Glu Val Ala	
515 520 525	
ttt aat aac gga tca ggt tct ggt gac ggt atc gat aaa cca gtt gtt	1932
Phe Asn Asn Gly Ser Gly Ser Gly Asp Gly Ile Asp Lys Pro Val Val	
530 535 540	
cct gaa caa cct gat gag cct ggt gaa att gaa cca att cca gag gat	1980
Pro Glu Gln Pro Asp Glu Pro Gly Glu Ile Glu Pro Ile Pro Glu Asp	
545 550 555 560	
tca gat tct gac cca ggt tca gat tct ggc agc gat tct aat tca gat	2028
Ser Asp Ser Asp Pro Gly Ser Asp Ser Gly Ser Asp Ser Asn Ser Asp	
565 570 575	
agc ggt tca gat tcg ggt agt gat tct aca tca gat agt ggt tca gat	2076
Ser Gly Ser Asp Ser Gly Ser Asp Ser Thr Ser Asp Ser Gly Ser Asp	
580 585 590	
tca gcg agt gat tca gat tca gca agt gat tca gac tca gcg agt gat	2124
Ser Ala Ser Asp Ser Asp Ser Ala Ser Asp Ser Asp Ser Ala Ser Asp	
595 600 605	
tca gat tca gca agc gat tcc gac tca gcg agc gat tcc gac tca gac	2172
Ser Asp Ser Ala Ser Asp Ser Asp Ser Ala Ser Asp Ser Asp Ser Asp	
610 615 620	

aat gac tcg gat tca gat agc gat tct gac tca gac agt gac tca gat	2220
Asn Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	
625 630 635 640	
tcc gac agt gac tca gat tca gat agc gat tct gac tca gac agt gac	2268
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	
645 650 655	
tca gat tca gat agc gat tca gat tca gat agc gat tca gat tcc gac	2316
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	
660 665 670	
agt gat tcc gac tca gac agc gat tct gac tcc gac agt gat tcc gac	2364
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	
675 680 685	
tca gac agc gat tca gat tcc gac agt gat tcc gac tca gat agc gat	2412
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	
690 695 700	
tcc gac tca gat agc gac tca gat tca gac agc gat tca gat tca gac	2460
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	
705 710 715 720	
agc gat tca gat tca gat agc gat tca gat tcc gac agt gac tca gat	2508
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	
725 730 735	
tcc gac agt gac tcg gat tca gat agc gat tca gat tcc gac agt gac	2556
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	
740 745 750	
tca gat tcc gac agt gac tca gac tca gac agt gat tcg gat tca gcg	2604
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Ala	
755 760 765	
agt gat tcg gat tca gat agt gat tcc gac tcc gac agt gac tcg gat	2652
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	
770 775 780	
tca gat agc gac tca gac tcg gat agc gac tcg gat tca gat agc gat	2700
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	
785 790 795 800	
tcg gac tca gat agc gat tca gaa tca gac agc gat tca gaa tca gac	2748
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Glu Ser Asp Ser Asp Ser Glu Ser Asp	
805 810 815	

agc gat tca gat tca gac agc gac tca gac agt gac tca gat tca gat 2796
 Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
 820 825 830

agt gac tcg gat tca gcg agt gat tca gac tca ggt agt gac tcc gat 2844
 Ser Asp Ser Asp Ser Ala Ser Asp Ser Asp Ser Gly Ser Asp Ser Asp
 835 840 845

tca tca agt gat tcc gac tca gaa agt gat tca aat agc gat tcc gag 2892
 Ser Ser Ser Asp Ser Asp Ser Glu Ser Asp Ser Asn Ser Asp Ser Glu
 850 855 860

tca ggt tct aac aat aat gta gtt ccg cct aat tca cct aaa aat ggt 2940
 Ser Gly Ser Asn Asn Asn Val Val Pro Pro Asn Ser Pro Lys Asn Gly
 865 870 875 880

act aat gct tct aat aaa aat gag gct aaa gat agt aaa gaa cca tta 2988
 Thr Asn Ala Ser Asn Lys Asn Glu Ala Lys Asp Ser Lys Glu Pro Leu
 885 890 895

cca gat aca ggt tct gaa gat gaa gca aat acg tca cta att tgg gga 3036
 Pro Asp Thr Gly Ser Glu Asp Glu Ala Asn Thr Ser Leu Ile Trp Gly
 900 905 910

tta tta gca tca ata ggt tca tta cta ctt ttc aga aga aaa aaa gaa 3084
 Leu Leu Ala Ser Ile Gly Ser Leu Leu Leu Phe Arg Arg Lys Lys Glu
 915 920 925

aat aaa gat aag aaa taagtaataa tgatattaaa ttaatcatat gattcatgaa 3139
 Asn Lys Asp Lys Lys
 930

gaagccacct taaaagggtgc ttcttttact tggattttcc aaatatattg tttgaatata 3199

attaataatt aattcatcaa cagttaatta ttttaaaaag gtagatgtta tataatttgg 3259

cttggcgaaa aaatagggtg taaggtaggt tgtaattag ggaaaattaa ggagaaaata 3319

cagttgaaaa ataaattgct agttttatca ttgggagcat tatgtgtatc acaaatttgg 3379

gaaagtaatc gtgcgagtgc agtggtttct ggggagaaga atccatatgt atctgagtcg 3439

ttgaaactga ctaataataa aaataaatct agaacagtag aagagtataa gaaaagctt 3498

<210> 2
 <211> 933
 <212> PRT

<213> Staphylococcus aureus

<400> 2

Met Asn Met Lys Lys Lys Glu Lys His Ala Ile Arg Lys Lys Ser Ile
1 5 10 15

Gly Val Ala Ser Val Leu Val Gly Thr Leu Ile Gly Phe Gly Leu Leu
20 25 30

Ser Ser Lys Glu Ala Asp Ala Ser Glu Asn Ser Val Thr Gln Ser Asp
35 40 45

Ser Ala Ser Asn Glu Ser Lys Ser Asn Asp Ser Ser Ser Val Ser Ala
50 55 60

Ala Pro Lys Thr Asp Asp Thr Asn Val Ser Asp Thr Lys Thr Ser Ser
65 70 75 80

Asn Thr Asn Asn Gly Glu Thr Ser Val Ala Gln Asn Pro Ala Gln Gln
85 90 95

Glu Thr Thr Gln Ser Ser Ser Thr Asn Ala Thr Thr Glu Glu Thr Pro
100 105 110

Val Thr Gly Glu Ala Thr Thr Thr Thr Thr Asn Gln Ala Asn Thr Pro
115 120 125

Ala Thr Thr Gln Ser Ser Asn Thr Asn Ala Glu Glu Leu Val Asn Gln
130 135 140

Thr Ser Asn Glu Thr Thr Phe Asn Asp Thr Asn Thr Val Ser Ser Val
145 150 155 160

Asn Ser Pro Gln Asn Ser Thr Asn Ala Glu Asn Val Ser Thr Thr Gln
165 170 175

Asp Thr Ser Thr Glu Ala Thr Pro Ser Asn Asn Glu Ser Ala Pro Gln
180 185 190

Ser Thr Asp Ala Ser Asn Lys Asp Val Val Asn Gln Ala Val Asn Thr
195 200 205

Ser Ala Pro Arg Met Arg Ala Phe Ser Leu Ala Ala Val Ala Ala Asp
210 215 220

Ala Pro Ala Ala Gly Thr Asp Ile Thr Asn Gln Leu Thr Asn Val Thr
225 230 235 240

Val Gly Ile Asp Ser Gly Thr Thr Val Tyr Pro His Gln Ala Gly Tyr
 245 250 255
 Val Lys Leu Asn Tyr Gly Phe Ser Val Pro Asn Ser Ala Val Lys Gly
 260 265 270
 Asp Thr Phe Lys Ile Thr Val Pro Lys Glu Leu Asn Leu Asn Gly Val
 275 280 285
 Thr Ser Thr Ala Lys Val Pro Pro Ile Met Ala Gly Asp Gln Val Leu
 290 295 300
 Ala Asn Gly Val Ile Asp Ser Asp Gly Asn Val Ile Tyr Thr Phe Thr
 305 310 315 320
 Asp Tyr Val Asn Thr Lys Asp Asp Val Lys Ala Thr Leu Thr Met Pro
 325 330 335
 Ala Tyr Ile Asp Pro Glu Asn Val Lys Lys Thr Gly Asn Val Thr Leu
 340 345 350
 Ala Thr Gly Ile Gly Ser Thr Thr Ala Asn Lys Thr Val Leu Val Asp
 355 360 365
 Tyr Glu Lys Tyr Gly Lys Phe Tyr Asn Leu Ser Ile Lys Gly Thr Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Asp Lys Thr Asn Asn Thr Tyr Arg Gln Thr Ile Tyr Val
 385 390 395 400
 Asn Pro Ser Gly Asp Asn Val Ile Ala Pro Val Leu Thr Gly Asn Leu
 405 410 415
 Lys Pro Asn Thr Asp Ser Asn Ala Leu Ile Asp Gln Gln Asn Thr Ser
 420 425 430
 Ile Lys Val Tyr Lys Val Asp Asn Ala Ala Asp Leu Ser Glu Ser Tyr
 435 440 445
 Phe Val Asn Pro Glu Asn Phe Glu Asp Val Thr Asn Ser Val Asn Ile
 450 455 460
 Thr Phe Pro Asn Pro Asn Gln Tyr Lys Val Glu Phe Asn Thr Pro Asp
 465 470 475 480
 Asp Gln Ile Thr Thr Pro Tyr Ile Val Val Val Asn Gly His Ile Asp
 485 490 495

Pro Asn Ser Lys Gly Asp Leu Ala Leu Arg Ser Thr Leu Tyr Gly Tyr
 500 505 510

Asn Ser Asn Ile Ile Trp Arg Ser Met Ser Trp Asp Asn Glu Val Ala
 515 520 525

Phe Asn Asn Gly Ser Gly Ser Gly Asp Gly Ile Asp Lys Pro Val Val
 530 535 540

Pro Glu Gln Pro Asp Glu Pro Gly Glu Ile Glu Pro Ile Pro Glu Asp
 545 550 555 560

Ser Asp Ser Asp Pro Gly Ser Asp Ser Gly Ser Asp Ser Asn Ser Asp
 565 570 575

Ser Gly Ser Asp Ser Gly Ser Asp Ser Thr Ser Asp Ser Gly Ser Asp
 580 585 590

Ser Ala Ser Asp Ser Asp Ser Ala Ser Asp Ser Asp Ser Ala Ser Asp
 595 600 605

Ser Asp Ser Ala Ser Asp Ser Asp Ser Ala Ser Asp Ser Asp Ser Asp
 610 615 620

Asn Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
 625 630 635 640

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
 645 650 655

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
 660 665 670

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
 675 680 685

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
 690 695 700

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
 705 710 715 720

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
 725 730 735

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
 740 745 750

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Ala
755 760 765

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
770 775 780

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
785 790 795 800

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Glu Ser Asp Ser Asp Ser Glu Ser Asp
805 810 815

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
820 825 830

Ser Asp Ser Asp Ser Ala Ser Asp Ser Asp Ser Gly Ser Asp Ser Asp
835 840 845

Ser Ser Ser Asp Ser Asp Ser Glu Ser Asp Ser Asn Ser Asp Ser Glu
850 855 860

Ser Gly Ser Asn Asn Asn Val Val Pro Pro Asn Ser Pro Lys Asn Gly
865 870 875 880

Thr Asn Ala Ser Asn Lys Asn Glu Ala Lys Asp Ser Lys Glu Pro Leu
885 890 895

Pro Asp Thr Gly Ser Glu Asp Glu Ala Asn Thr Ser Leu Ile Trp Gly
900 905 910

Leu Leu Ala Ser Ile Gly Ser Leu Leu Leu Phe Arg Arg Lys Lys Glu
915 920 925

Asn Lys Asp Lys Lys
930

<210> 3

<211> 12

<212> PRT

<213> Staphylococcus aureus

<400> 3

Gly Thr Ile Asn Tyr Thr Ser Ala Phe Glu Lys Ile
1 5 10

<210> 4

<211> 58
<212> PRT
<213> Staphylococcus aureus

<400> 4
Phe Gln Ala Arg Ile Thr Leu Gly Arg Val His Ile Asn Asn Lys Lys
1 5 10 15
Cys Leu Gln Ser Asn Arg Thr Leu Ser Phe Val Ile Leu Lys Ile Ala
20 25 30
Ile Asn Lys Met Phe Val Ser Lys Val Leu Leu Trp Ile Ile Lys Tyr
35 40 45
Arg Tyr Lys Leu Ile Ala Ile Met Gln Phe
50 55

<210> 5
<211> 15
<212> PRT
<213> Staphylococcus aureus

<400> 5
Cys Ile Ile Pro Leu Thr Glu Ile Lys Tyr Ile Leu Lys Gly Ile
1 5 10 15

<210> 6
<211> 6
<212> PRT
<213> Staphylococcus aureus

<400> 6
Val Ile Met Ile Leu Asn
1 5

<210> 7
<211> 21
<212> PRT
<213> Staphylococcus aureus

<400> 7
Arg Ser His Leu Lys Arg Cys Phe Phe Tyr Leu Asp Phe Pro Asn Ile
1 5 10 15

Leu Phe Glu Tyr Asn

<210> 8
 <211> 11
 <212> PRT
 <213> Staphylococcus aureus

<400> 8
 Leu Ile His Gln Gln Leu Ile Ile Leu Lys Arg
 1 5 10

<210> 9
 <211> 12
 <212> PRT
 <213> Staphylococcus aureus

<400> 9
 Met Leu Tyr Asn Leu Ala Trp Arg Lys Asn Arg Val
 1 5 10

<210> 10
 <211> 8
 <212> PRT
 <213> Staphylococcus aureus

<400> 10
 Gly Arg Leu Leu Ile Arg Glu Asn
 1 5

<210> 11
 <211> 7
 <212> PRT
 <213> Staphylococcus aureus

<400> 11
 Gly Glu Asn Thr Val Glu Lys
 1 5

<210> 12
 <211> 17
 <212> PRT
 <213> Staphylococcus aureus

<400> 12

Ile Ala Ser Phe Ile Ile Gly Ser Ile Met Cys Ile Thr Asn Leu Gly
1 5 10 15

Lys

<210> 13

<211> 15

<212> PRT

<213> Staphylococcus aureus

<400> 13

Ser Cys Glu Cys Ser Gly Phe Trp Gly Glu Glu Ser Ile Cys Ile
1 5 10 15

<210> 14

<211> 5

<212> PRT

<213> Staphylococcus aureus

<400> 14

Val Val Glu Thr Asp
1 5

<210> 15

<211> 5

<212> PRT

<213> Staphylococcus aureus

<400> 15

Asn Ser Arg Arg Val
1 5

<210> 16

<211> 16

<212> PRT

<213> Staphylococcus aureus

<400> 16

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Gly Gly Gly Cys
1 5 10 15

<210> 17
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Staphylococcus aureus

<400> 17
 Val Gly Thr Leu Ile Gly Phe Gly Leu Leu
 1 5 10

<210> 18
 <211> 7
 <212> PRT
 <213> Staphylococcus aureus

<400> 18
 Gly Lys Ile Ile Gly Ile Asp
 1 5

<210> 19
 <211> 16
 <212> PRT
 <213> Staphylococcus aureus

<400> 19
 Met Asn Gln Thr Ser Asn Glu Thr Thr Phe Asn Asp Thr Asn Thr Val
 1 5 10 15

<210> 20
 <211> 18
 <212> PRT
 <213> Staphylococcus aureus

<400> 20
 Ala Val Ala Ala Asp Ala Pro Ala Ala Gly Thr Asp Ile Thr Asn Gln
 1 5 10 15

Leu Thr

005001-100500